

SEQUENCE LISTING

<110> FOSTER, Timothy

<120> POLYPEPTIDES AND POLYNUCLEOTIDES FROM COAGULASE-NEGATIVE STAPHYLOCOCCI

<130> P06335US04/BAS

<140>

<141> 2003-10-21

<150> 09/386,962

<151> 1999-08-31

<150> 60/098,443

<151> 1998-08-31

<150> 60/117,119

<151> 1999-01-25

<160> 39

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 5406

<212> DNA

<213> Staphylococcus epidermidis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(5406)

<223>

<400> 1

tat	tgg	ata	aat	tat	gct	tat	aaa	gta	ttt	aca	taa	aaa	tgt	aaa	tgc	48
Tyr	Trp	Ile	Asn	Tyr	Ala	Tyr	Lys	Val	Phe	Thr		Lys	Cys	Lys	Cys	
1			5						10						15	

aat	tta	caa	gta	aat	att	caa	att	att	tcc	ttg	taa	aat	att	tat	ttt	96
Asn	Leu	Gln	Val	Asn	Ile	Gln	Ile	Ile	Ser	Leu		Asn	Ile	Tyr	Phe	
			20						25						30	

aac	tgg	agg	tat	agt	atg	aaa	aag	aga	aga	caa	gga	cca	att	aac	aag	144
Asn	Trp	Arg	Tyr	Ser	Met	Lys	Lys	Arg	Arg	Gln	Gly	Pro	Ile	Asn	Lys	
				35					40					45		

aga	gtg	gat	ttt	cta	tcc	aac	aag	gta	aac	aag	tac	tcg	att	agg	aag	192
Arg	Val	Asp	Phe	Leu	Ser	Asn	Lys	Val	Asn	Lys	Tyr	Ser	Ile	Arg	Lys	
			50					55					60			

ttc	aca	gta	ggt	aca	gct	tca	ata	ctc	gtg	ggt	gct	acg	tta	atg	ttt	240
Phe	Thr	Val	Gly	Thr	Ala	Ser	Ile	Leu	Val	Gly	Ala	Thr	Leu	Met	Phe	
		65					70					75				

ggt	gcc	gca	gac	aat	gag	gct	aaa	gcg	gct	gaa	gac	aat	caa	tta	gaa	288
Gly	Ala	Ala	Asp	Asn	Glu	Ala	Lys	Ala	Ala	Glu	Asp	Asn	Gln	Leu	Glu	
	80					85					90					

tca gct tca aaa gaa gaa cag aaa ggt agt cgt gat aat gaa aac tca Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp Asn Glu Asn Ser 95 100 105 110	336
aaa ctt aat caa gtc gat tta gac aac gga tca cat agt tct gag aaa Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His Ser Ser Glu Lys 115 120 125	384
aca aca aat gta aac aat gca act gaa gta aaa aaa gtt gaa gca cca Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys Val Glu Ala Pro 130 135 140	432
acg aca agt gac gta tct aag cct aaa gct aat gaa gca gta gtg acg Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu Ala Val Val Thr 145 150 155	480
aat gag tca act aaa cca aaa aca aca gaa gca cca act gtt aat gag Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro Thr Val Asn Glu 160 165 170	528
gaa tca ata gct gaa aca ccc aaa acc tca act aca caa caa gat tcg Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr Gln Gln Asp Ser 175 180 185 190	576
act gag aag aat aat cca tct tta aaa gat aat tta aat tca tcc tca Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu Asn Ser Ser Ser 195 200 205	624
acg aca tct aaa gaa agt aaa aca gac gaa cat tct act aag caa gct Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser Thr Lys Gln Ala 210 215 220	672
caa atg tct act aat aaa tca aat tta gac aca aat gac tct cca act Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn Asp Ser Pro Thr 225 230 235	720
caa agt gag aaa act tca tca caa gca aat aac gac agt aca gat aat Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp Ser Thr Asp Asn 240 245 250	768
cag tca gca cct tct aaa caa tta gat tca aaa cca tca gaa caa aaa Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro Ser Glu Gln Lys 255 260 265 270	816
gta tat aaa aca aaa ttt aat gat gaa cct act caa gat gtt gaa cac Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln Asp Val Glu His 275 280 285	864
acg aca act aaa tta aaa aca cct tct gtt tca aca gat agt tca gtc Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr Asp Ser Ser Val 290 295 300	912
aat gat aag caa gat tac aca cga agt gct gta gct agt tta ggt gtt Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala Ser Leu Gly Val 305 310 315	960
gat tct aat gaa aca gaa gca att aca aat gca gtt aga gac aat tta Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val Arg Asp Asn Leu 320 325 330	1008
gat tta aaa gct gca tct aga gaa caa atc aat gaa gca atc att gct Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu Ala Ile Ile Ala	1056

335		340		345		350	
gaa gca cta aaa aaa gac ttt tct aac cct gat tat ggt gtc gat acg							1104
Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr Gly Val Asp Thr							
		355		360		365	
cca tta gct cta aac aga tct caa tca aaa aat tca cca cat aag agt							1152
Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser Pro His Lys Ser							
		370		375		380	
gca agt cca cgc atg aat tta atg agt tta gct gct gag cct aat agt							1200
Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala Glu Pro Asn Ser							
		385		390		395	
ggt aaa aat gtg aat gat aaa gtt aaa atc aca aac cct acg ctt tca							1248
Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn Pro Thr Leu Ser							
		400		405		410	
ctt aat aag agt aat aat cac gct aat aac gta ata tgg cca aca agt							1296
Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile Trp Pro Thr Ser							
		415		420		425	430
aac gaa caa ttt aat tta aaa gca aat tat gaa tta gat gac agc ata							1344
Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu Asp Asp Ser Ile							
		435		440		445	
aaa gag gga gat act ttt act att aag tat ggt cag tat att aga ccg							1392
Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln Tyr Ile Arg Pro							
		450		455		460	
ggt ggt tta gaa ctt cct gca ata aaa act caa cta cgt agt aag gat							1440
Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu Arg Ser Lys Asp							
		465		470		475	
ggc tct att gta gct aat ggt gta tat gat aaa act aca aat acg acg							1488
Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr Thr Asn Thr Thr							
		480		485		490	
act tat aca ttt act aac tat gtt gat caa tat caa aat att aca ggt							1536
Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln Asn Ile Thr Gly							
		500		505		510	
agt ttt gat tta att gcg acg cct aag agg gaa aca gca att aag gat							1584
Ser Phe Asp Leu Ile Ala Thr Pro Lys Arg Glu Thr Ala Ile Lys Asp							
		515		520		525	
aat cag aat tat cct atg gaa gtg acg att gct aac gaa gta gtc aaa							1632
Asn Gln Asn Tyr Pro Met Glu Val Thr Ile Ala Asn Glu Val Val Lys							
		530		535		540	
aaa gac ttc att gtg gat tat ggt aat aaa aag gac aat aca act aca							1680
Lys Asp Phe Ile Val Asp Tyr Gly Asn Lys Lys Asp Asn Thr Thr Thr							
		545		550		555	
gca gcg gta gca aat gtg gat aat gta aat aat aaa cat aac gaa gtt							1728
Ala Ala Val Ala Asn Val Asp Asn Val Asn Asn Lys His Asn Glu Val							
		560		565		570	
gtt tat cta aac caa aat aac caa aac cct aaa tat gct aaa tat ttc							1776
Val Tyr Leu Asn Gln Asn Asn Gln Asn Pro Lys Tyr Ala Lys Tyr Phe							
		575		580		585	590

tca	aca	gta	aaa	aat	ggt	gaa	ttt	ata	cca	ggt	gaa	gtg	aaa	gtt	tac	1824
Ser	Thr	Val	Lys	Asn	Gly	Glu	Phe	Ile	Pro	Gly	Glu	Val	Lys	Val	Tyr	
				595					600					605		
gaa	gtg	acg	gat	acc	aat	gcg	atg	gta	gat	agc	ttc	aat	cct	gat	tta	1872
Glu	Val	Thr	Asp	Thr	Asn	Ala	Met	Val	Asp	Ser	Phe	Asn	Pro	Asp	Leu	
			610					615					620			
aat	agt	tct	aat	gta	aaa	gat	gtg	aca	agt	caa	ttt	gca	cct	aaa	gta	1920
Asn	Ser	Ser	Asn	Val	Lys	Asp	Val	Thr	Ser	Gln	Phe	Ala	Pro	Lys	Val	
		625					630					635				
agt	gca	gat	ggt	act	aga	gtt	gat	atc	aat	ttt	gct	aga	agt	atg	gca	1968
Ser	Ala	Asp	Gly	Thr	Arg	Val	Asp	Ile	Asn	Phe	Ala	Arg	Ser	Met	Ala	
	640					645					650					
aat	ggt	aaa	aag	tat	att	gta	act	caa	gca	gtg	aga	cca	acg	gga	act	2016
Asn	Gly	Lys	Lys	Tyr	Ile	Val	Thr	Gln	Ala	Val	Arg	Pro	Thr	Gly	Thr	
655				660						665					670	
gga	aat	gtt	tat	acc	gaa	tat	tgg	tta	aca	aga	gat	ggt	act	acc	aat	2064
Gly	Asn	Val	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Trp	Leu	Thr	Arg	Asp	Gly	Thr	Thr	Asn	
				675				680						685		
aca	aat	gat	ttt	tac	cgt	gga	acg	aag	tct	aca	acg	gtg	act	tat	ctc	2112
Thr	Asn	Asp	Phe	Tyr	Arg	Gly	Thr	Lys	Ser	Thr	Thr	Val	Thr	Tyr	Leu	
			690					695					700			
aat	ggt	tct	tca	aca	gca	cag	ggg	gat	aat	cct	aca	tat	agt	cta	ggt	2160
Asn	Gly	Ser	Ser	Thr	Ala	Gln	Gly	Asp	Asn	Pro	Thr	Tyr	Ser	Leu	Gly	
		705					710					715				
gac	tat	gta	tgg	tta	gat	aaa	aat	aaa	aac	ggt	gtt	caa	gat	gat	gat	2208
Asp	Tyr	Val	Trp	Leu	Asp	Lys	Asn	Lys	Asn	Gly	Val	Gln	Asp	Asp	Asp	
	720					725					730					
gag	aaa	ggt	tta	gca	ggt	gtt	tat	gtt	act	ctt	aaa	gac	agt	aac	aat	2256
Glu	Lys	Gly	Leu	Ala	Gly	Val	Tyr	Val	Thr	Leu	Lys	Asp	Ser	Asn	Asn	
	735				740					745					750	
aga	gaa	tta	caa	cgt	gta	act	act	gat	caa	tct	gga	cat	tat	caa	ttt	2304
Arg	Glu	Leu	Gln	Arg	Val	Thr	Thr	Asp	Gln	Ser	Gly	His	Tyr	Gln	Phe	
				755					760					765		
gat	aat	tta	caa	aat	gga	acg	tac	aca	gtc	gag	ttt	gcg	att	cct	gat	2352
Asp	Asn	Leu	Gln	Asn	Gly	Thr	Tyr	Thr	Val	Glu	Phe	Ala	Ile	Pro	Asp	
			770					775					780			
aat	tat	acg	cca	tct	ccc	gca	aat	aat	tct	aca	aat	gat	gca	ata	gat	2400
Asn	Tyr	Thr	Pro	Ser	Pro	Ala	Asn	Asn	Ser	Thr	Asn	Asp	Ala	Ile	Asp	
		785					790					795				
tca	gat	ggt	gaa	cgt	gat	ggt	aca	cgt	aaa	gta	gtt	gtt	gcc	aaa	gga	2448
Ser	Asp	Gly	Glu	Arg	Asp	Gly	Thr	Arg	Lys	Val	Val	Val	Ala	Lys	Gly	
	800					805					810					
aca	att	aat	aat	gct	gat	aat	atg	act	gta	gat	act	ggc	ttt	tat	tta	2496
Thr	Ile	Asn	Asn	Ala	Asp	Asn	Met	Thr	Val	Asp	Thr	Gly	Phe	Tyr	Leu	
	815				820					825					830	
act	cct	aaa	tac	aat	gtc	gga	gat	tat	gta	tgg	gaa	gat	aca	aat	aaa	2544
Thr	Pro	Lys	Tyr	Asn	Val	Gly	Asp	Tyr	Val	Trp	Glu	Asp	Thr	Asn	Lys	

835										840					845					
gat ggt atc	caa gat gac	aat gaa aaa	gga att tct	ggt gtt aaa	gta	2592														
Asp Gly Ile	Gln Asp Asp	Asn Glu Lys	Gly Ile Ser	Gly Val Lys	Val															
	850		855		860															
acg tta aaa	aat aaa aat	gga gat act	att ggc aca	acg aca aca	gat	2640														
Thr Leu Lys	Asn Lys Asn	Gly Asp Thr	Ile Gly Thr	Thr Thr Thr	Asp															
	865		870		875															
tca aat ggt	aaa tat gaa	ttc aca ggt	tta gag aac	ggg gat tac	aca	2688														
Ser Asn Gly	Lys Tyr Glu	Phe Thr Gly	Leu Glu Asn	Gly Asp Tyr	Thr															
	880		885		890															
ata gaa ttt	gag acg ccg	gaa ggc tac	aca ccg act	aaa caa aac	tcg	2736														
Ile Glu Phe	Glu Thr Pro	Glu Gly Tyr	Thr Pro Thr	Lys Gln Asn	Ser															
	895		900		910															
gga agt gac	gaa ggt aaa	gat tca aac	ggt acg aaa	aca aca gtc	aca	2784														
Gly Ser Asp	Glu Gly Lys	Asp Ser Asn	Gly Thr Lys	Thr Thr Val	Thr															
	915		920		925															
gtc aaa gat	gca gat aat	aaa aca ata	gac tca ggt	ttc tac aag	cca	2832														
Val Lys Asp	Ala Asp Asn	Lys Thr Ile	Asp Ser Gly	Phe Tyr Lys	Pro															
	930		935		940															
aca tat aac	tta ggt gac	tat gta tgg	gaa gat aca	aat aaa gat	ggt	2880														
Thr Tyr Asn	Leu Gly Asp	Tyr Val Trp	Glu Asp Thr	Asn Lys Asp	Gly															
	945		950		955															
att caa gac	gac agt gaa	aaa ggg att	tct ggg gtt	aaa gtg acg	tta	2928														
Ile Gln Asp	Asp Ser Glu	Lys Gly Ile	Ser Gly Val	Lys Val Thr	Leu															
	960		965		970															
aaa gat aaa	aat gga aat	gcc att ggg	aca acg aca	aca gac gca	agt	2976														
Lys Asp Lys	Asn Gly Asn	Ala Ile Gly	Thr Thr Thr	Asp Ala Ser																
	975		980		990															
ggt cat tat	caa ttt aaa	gga tta gaa	aat gga agc	tac aca gtt	gag	3024														
Gly His Tyr	Gln Phe Lys	Gly Leu Glu	Asn Gly Ser	Tyr Thr Val	Glu															
	995		1000		1005															
ttt gag aca	cca tca ggt	tat aca ccg	aca aaa gcg	aat tca ggt		3069														
Phe Glu Thr	Pro Ser Gly	Tyr Thr Pro	Thr Lys Ala	Asn Ser Gly																
	1010		1015		1020															
caa gat ata	act gta gat	tcc aac ggt	ata aca aca	aca ggt atc		3114														
Gln Asp Ile	Thr Val Asp	Ser Asn Gly	Ile Thr Thr	Thr Gly Ile																
	1025		1030		1035															
att aac gga	gct gat aat	ctc aca att	gat agt ggt	ttc tac aaa		3159														
Ile Asn Gly	Ala Asp Asn	Leu Thr Ile	Asp Ser Gly	Phe Tyr Lys																
	1040		1045		1050															
aca cca aaa	tat agt gtc	gga gat tat	gta tgg gaa	gat aca aat		3204														
Thr Pro Lys	Tyr Ser Val	Gly Asp Tyr	Val Trp Glu	Asp Thr Asn																
	1055		1060		1065															
aaa gat ggt	atc caa gat	gac aat gaa	aag gga att	tct ggt gtt		3249														
Lys Asp Gly	Ile Gln Asp	Asp Asn Glu	Lys Gly Ile	Ser Gly Val																
	1070		1075		1080															

aaa gta acg tta	aag gat gaa aaa gga	aat ata att agc act aca	3294
Lys Val Thr Leu	Lys Asp Glu Lys Gly	Asn Ile Ile Ser Thr Thr	
1085	1090	1095	
aca act gat gaa	aat ggg aag tat caa	ttt gat aat tta gat agt	3339
Thr Thr Asp Glu	Asn Gly Lys Tyr Gln	Phe Asp Asn Leu Asp Ser	
1100	1105	1110	
ggt aat tac att	att cat ttt gag aaa	ccg gaa ggc atg act caa	3384
Gly Asn Tyr Ile	Ile His Phe Glu Lys	Pro Glu Gly Met Thr Gln	
1115	1120	1125	
act aca gca aat	tct gga aat gat gat	gaa aaa gat gct gat ggg	3429
Thr Thr Ala Asn	Ser Gly Asn Asp Asp	Glu Lys Asp Ala Asp Gly	
1130	1135	1140	
gaa gat gtt cgt	gtt acg att act gat	cat gat gac ttt agt ata	3474
Glu Asp Val Arg	Val Thr Ile Thr Asp	His Asp Asp Phe Ser Ile	
1145	1150	1155	
gat aat ggt tat	ttt gac gat gat tca	gac agt gac tca gac gca	3519
Asp Asn Gly Tyr	Phe Asp Asp Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ala	
1160	1165	1170	
gat agt gat tca	gac tca gac agt gac	tcg gac gca gac agc gat	3564
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ala Asp Ser Asp	
1175	1180	1185	
tct gac gca gac	agt gac tca gac gca	gat agt gat tct gac tca	3609
Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1190	1195	1200	
gac agc gac tca	gac gca gat agt gat	tcc gat tca gac agc gac	3654
Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1205	1210	1215	
tcg gat tca gat	agt gat tcg gat gca	gac agc gac tcg gat tct	3699
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1220	1225	1230	
gac agt gat tct	gac gca gac agt gac	tca gat tca gac agt gac	3744
Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1235	1240	1245	
tcg gat tca gac	agc gat tcg gat tcc	gat tca gac agt gac tcg	3789
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ser	
1250	1255	1260	
gat tca gac agt	gac tca gac tcc gac	agt gat tcc gat tca gat	3834
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1265	1270	1275	
agc gac tcc gac	gca gat agt gat tcg	gac gca gac agt gac tca	3879
Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser Asp Ser	
1280	1285	1290	
gat tca gac agt	gat tcg gac gca gac	agt gac tcg gac tca gat	3924
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp Ser Asp	
1295	1300	1305	
agt gat tca gat	gca gac agc gat tca	gac tca gat agc gac tcg	3969
Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser Asp Ser	

1310				1315				1320				
gat tca gac agc	gat tcc gac gca	gat agc gac tcg	gat tca gat	4014								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp									
1325	1330	1335										
agt gat tct gac	tca gac agt gac	tca gat tcc gat	agt gat tcg	4059								
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1340	1345	1350										
gat tca gat agt	gat tcc gac gca	gat agc gat tcg	gat tcc gat	4104								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp									
1355	1360	1365										
agc gat tca gac	tca gac agc gat	tca gat tca gac	agc gac tca	4149								
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1370	1375	1380										
gat tca gat agt	gat tcc gac gca	gat agc gat gca	gat agc gac	4194								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp									
1385	1390	1395										
tca gac gca gac	agt gat tca gat	gac agc gat tct	gac tca	4239								
Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser Asp	Asp Ser Asp Ser	Ser Asp Ser									
1400	1405	1410										
gat agt gac tca	gac gca gat agt	gat tcc gat tcc	gat agc gat	4284								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1415	1420	1425										
tca gat tct gat	agt gac tca gac	tca gac agt gac	tca gat tcc	4329								
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1430	1435	1440										
gat agc gac tcg	gat tca gat agt	gat tcc gac gca	gat agt gac	4374								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ala	Asp Ser Asp									
1445	1450	1455										
tca gac tca gat	agt gac tcg gat	tcc gat agt gat	tcc gac gca	4419								
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ala									
1460	1465	1470										
gac agc gat tct	gac tca gat agt	gac tca gac gca	gat agt gat	4464								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser	Ser Asp Ala Asp	Ser Asp Ser									
1475	1480	1485										
tcc gat tcc gat	agc gat tcg gat	gca gat agc gac	tcg gat tca	4509								
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1490	1495	1500										
gat agt gat tcc	gac gca gac agt	gat tca gac tca	gat agt gac	4554								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ala Asp Ser	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1505	1510	1515										
tcg gat tcc gat	agt gat tcc gac	gca gat agc gat	tcg gat tcc	4599								
Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser Asp	Ala Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1520	1525	1530										
gat agc gat tca	gac tcc gac agc	gat tca gat tca	gac agc gac	4644								
Asp Ser Asp Ser	Asp Ser Asp Ser	Ser Asp Ser Asp	Ser Asp Ser									
1535	1540	1545										

tca gat tcc gat agt gat tcc gat tca gac agt gac tcg gat tcc Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1550 1555 1560	4689
gat agt gac tca gac tca gac agt gac tca gat tca gat agc gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1565 1570 1575	4734
tca gat tca gac agt gat tcg gac tca gat agt gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1580 1585 1590	4779
gac agt gat tcg gat tcc gat agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1595 1600 1605	4824
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1610 1615 1620	4869
gat agt gat tcc gac tca gac agc gat tcg gat tcc gat agt gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1625 1630 1635	4914
tcg gat tca gac agt gat tcg gac tca gac agc gac tcc gat tca Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1640 1645 1650	4959
gat agt gat tcc gac gca gac agc gac tcc gat tca gat agt gat Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1655 1660 1665	5004
tcg gac gca gac agc gat tcc gat agt gac tcg gat tca gac agt Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1670 1675 1680	5049
gat tcg gac tca gac agc gat tcc gat tca gac agt gac tcg gac Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp 1685 1690 1695	5094
tca gat agc gac tcg gat tca gac agt gac tcg gac tca gat agt Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 1700 1705 1710	5139
gac tcc gat tca gac agc gac tcg gat tct gat aaa aat gca aaa Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn Ala Lys 1715 1720 1725	5184
gat aaa tta cct gat aca gga gca aat gaa gat cat gat tct aaa Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys 1730 1735 1740	5229
ggc aca tta ctt gga act tta ttt gca ggt tta gga gca tta tta Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu 1745 1750 1755	5274
tta gga aga cgt cgt aaa aaa gat aat aaa gaa aaa tag cac tat Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys His Tyr 1760 1765 1770	5319
tga ttc att cat aag tta ttt caa gcc agg tct ata tgg cct ggt Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly	5364

1775 1780 5406

ttg aaa tca tat taa att gaa agg aga aaa aga tga gta tgg
 Leu Lys Ser Tyr Ile Glu Arg Arg Lys Arg Val Trp
 1785 1790 1795

<210> 2
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 2

Tyr Trp Ile Asn Tyr Ala Tyr Lys Val Phe Thr
 1 5 10

<210> 3
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 3

Lys Cys Lys Cys Asn Leu Gln Val Asn Ile Gln Ile Ile Ser Leu
 1 5 10 15

<210> 4
 <211> 1742
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 4

Asn Ile Tyr Phe Asn Trp Arg Tyr Ser Met Lys Lys Arg Arg Gln Gly
 1 5 10 15

Pro Ile Asn Lys Arg Val Asp Phe Leu Ser Asn Lys Val Asn Lys Tyr
 20 25 30

Ser Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile Leu Val Gly Ala
 35 40 45

Thr Leu Met Phe Gly Ala Ala Asp Asn Glu Ala Lys Ala Ala Glu Asp
 50 55 60

Asn Gln Leu Glu Ser Ala Ser Lys Glu Glu Gln Lys Gly Ser Arg Asp
 65 70 75 80

Asn Glu Asn Ser Lys Leu Asn Gln Val Asp Leu Asp Asn Gly Ser His
 85 90 95

Ser Ser Glu Lys Thr Thr Asn Val Asn Asn Ala Thr Glu Val Lys Lys
 100 105 110

Val Glu Ala Pro Thr Thr Ser Asp Val Ser Lys Pro Lys Ala Asn Glu
 115 120 125

Ala Val Val Thr Asn Glu Ser Thr Lys Pro Lys Thr Thr Glu Ala Pro
 130 135 140

Thr Val Asn Glu Glu Ser Ile Ala Glu Thr Pro Lys Thr Ser Thr Thr
 145 150 155 160
 Gln Gln Asp Ser Thr Glu Lys Asn Asn Pro Ser Leu Lys Asp Asn Leu
 165 170 175
 Asn Ser Ser Ser Thr Thr Ser Lys Glu Ser Lys Thr Asp Glu His Ser
 180 185 190
 Thr Lys Gln Ala Gln Met Ser Thr Asn Lys Ser Asn Leu Asp Thr Asn
 195 200 205
 Asp Ser Pro Thr Gln Ser Glu Lys Thr Ser Ser Gln Ala Asn Asn Asp
 210 215 220
 Ser Thr Asp Asn Gln Ser Ala Pro Ser Lys Gln Leu Asp Ser Lys Pro
 225 230 235 240
 Ser Glu Gln Lys Val Tyr Lys Thr Lys Phe Asn Asp Glu Pro Thr Gln
 245 250 255
 Asp Val Glu His Thr Thr Thr Lys Leu Lys Thr Pro Ser Val Ser Thr
 260 265 270
 Asp Ser Ser Val Asn Asp Lys Gln Asp Tyr Thr Arg Ser Ala Val Ala
 275 280 285
 Ser Leu Gly Val Asp Ser Asn Glu Thr Glu Ala Ile Thr Asn Ala Val
 290 295 300
 Arg Asp Asn Leu Asp Leu Lys Ala Ala Ser Arg Glu Gln Ile Asn Glu
 305 310 315 320
 Ala Ile Ile Ala Glu Ala Leu Lys Lys Asp Phe Ser Asn Pro Asp Tyr
 325 330 335
 Gly Val Asp Thr Pro Leu Ala Leu Asn Arg Ser Gln Ser Lys Asn Ser
 340 345 350
 Pro His Lys Ser Ala Ser Pro Arg Met Asn Leu Met Ser Leu Ala Ala
 355 360 365
 Glu Pro Asn Ser Gly Lys Asn Val Asn Asp Lys Val Lys Ile Thr Asn
 370 375 380
 Pro Thr Leu Ser Leu Asn Lys Ser Asn Asn His Ala Asn Asn Val Ile
 385 390 395 400
 Trp Pro Thr Ser Asn Glu Gln Phe Asn Leu Lys Ala Asn Tyr Glu Leu
 405 410 415
 Asp Asp Ser Ile Lys Glu Gly Asp Thr Phe Thr Ile Lys Tyr Gly Gln
 420 425 430
 Tyr Ile Arg Pro Gly Gly Leu Glu Leu Pro Ala Ile Lys Thr Gln Leu
 435 440 445
 Arg Ser Lys Asp Gly Ser Ile Val Ala Asn Gly Val Tyr Asp Lys Thr
 450 455 460
 Thr Asn Thr Thr Thr Tyr Thr Phe Thr Asn Tyr Val Asp Gln Tyr Gln

• • • • •

Gly Phe Tyr Leu Thr Pro Lys Tyr Asn Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu
 805 810 815
 Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 820 825 830
 Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asn Lys Asn Gly Asp Thr Ile Gly Thr
 835 840 845
 Thr Thr Thr Asp Ser Asn Gly Lys Tyr Glu Phe Thr Gly Leu Glu Asn
 850 855 860
 Gly Asp Tyr Thr Ile Glu Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro Thr
 865 870 875 880
 Lys Gln Asn Ser Gly Ser Asp Glu Gly Lys Asp Ser Asn Gly Thr Lys
 885 890 895
 Thr Thr Val Thr Val Lys Asp Ala Asp Asn Lys Thr Ile Asp Ser Gly
 900 905 910
 Phe Tyr Lys Pro Thr Tyr Asn Leu Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp Thr
 915 920 925
 Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Ser Glu Lys Gly Ile Ser Gly Val
 930 935 940
 Lys Val Thr Leu Lys Asp Lys Asn Gly Asn Ala Ile Gly Thr Thr Thr
 945 950 955 960
 Thr Asp Ala Ser Gly His Tyr Gln Phe Lys Gly Leu Glu Asn Gly Ser
 965 970 975
 Tyr Thr Val Glu Phe Glu Thr Pro Ser Gly Tyr Thr Pro Thr Lys Ala
 980 985 990
 Asn Ser Gly Gln Asp Ile Thr Val Asp Ser Asn Gly Ile Thr Thr Thr
 995 1000 1005
 Gly Ile Ile Asn Gly Ala Asp Asn Leu Thr Ile Asp Ser Gly Phe
 1010 1015 1020
 Tyr Lys Thr Pro Lys Tyr Ser Val Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
 1025 1030 1035
 Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Asp Asp Asn Glu Lys Gly Ile Ser
 1040 1045 1050
 Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Lys Gly Asn Ile Ile Ser
 1055 1060 1065
 Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
 1070 1075 1080
 Asp Ser Gly Asn Tyr Ile Ile His Phe Glu Lys Pro Glu Gly Met
 1085 1090 1095
 Thr Gln Thr Thr Ala Asn Ser Gly Asn Asp Asp Glu Lys Asp Ala
 1100 1105 1110
 Asp Gly Glu Asp Val Arg Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe
 1115 1120 1125

Ser Ile Asp Asn Gly Tyr Phe Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 1130 1135 1140
 Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp
 1145 1150 1155
 Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
 1160 1165 1170
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 1175 1180 1185
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
 1190 1195 1200
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 1205 1210 1215
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 1220 1225 1230
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 1235 1240 1245
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser
 1250 1255 1260
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp
 1265 1270 1275
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 1280 1285 1290
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp
 1295 1300 1305
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 1310 1315 1320
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp
 1325 1330 1335
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 1340 1345 1350
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ala Asp
 1355 1360 1365
 Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser
 1370 1375 1380
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 1385 1390 1395
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
 1400 1405 1410
 Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ala Asp
 1415 1420 1425
 Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

```

      1430              1435              1440
Asp Ala  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ala Asp
1445              1450              1455

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser
1460              1465              1470

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1475              1480              1485

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ala Asp  Ser Asp Ser
1490              1495              1500

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1505              1510              1515

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Ser  Asp Ser Asp
1520              1525              1530

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1535              1540              1545

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Ser  Asp Ser Asp
1550              1555              1560

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1565              1570              1575

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Ser  Asp Ser Asp
1580              1585              1590

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1595              1600              1605

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Ser  Asp Ser Asp
1610              1615              1620

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ala Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1625              1630              1635

Ser Asp  Ser Asp Ala Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Ser  Asp Ser Asp
1640              1645              1650

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp
1655              1660              1665

Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Ser  Asp Ser Asp
1670              1675              1680

Asp Ser  Asp Ser Asp Ser Asp  Ser Asp Ser Asp Ser  Asp Lys Asn
1685              1690              1695

Ala Lys  Asp Lys Leu Pro Asp  Thr Gly Ala Asn Glu  Asp His Asp
1700              1705              1710

Ser Lys  Gly Thr Leu Leu Gly  Thr Leu Phe Ala Gly  Leu Gly Ala
1715              1720              1725

Leu Leu  Leu Gly Arg Arg Arg  Lys Lys Asp Asn Lys  Glu Lys
1730              1735              1740

```

```

<210> 5
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 5

Phe Ile His Lys Leu Phe Gln Ala Arg Ser Ile Trp Pro Gly Leu Lys
1 5 10 15

Ser Tyr

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 6

Ile Glu Arg Arg Lys Arg
1 5

<210> 7
<211> 2976
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> CDS
<222> (3)..(2975)
<223>

<400> 7
at att gca aaa aag act tat ata cta tat tgt att tta ctc tag aaa 47
Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu Lys
1 5 10

cga ttt tta ctt gaa aat tac att gaa ata gtc aaa gat aag gag ttt 95
Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu Phe
15 20 25 30

tta tga tta aaa aaa aat aat tta cta act aaa aag aaa cct ata gca 143
Leu Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala
35 40 45

aat aaa tcc aat aaa tat gca att aga aaa ttc aca gta ggt aca gcg 191
Asn Lys Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala
50 55 60

tct att gta ata ggt gca gca tta ttg ttt ggt tta ggt cat aat gag 239
Ser Ile Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu
65 70 75

gcc aaa gct gag gag aat aca gta caa gac gtt aaa gat tcg aat atg 287
Ala Lys Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met
80 85 90

gat gat gaa tta tca gat agc aat gat cag tcc agt aat gaa gaa aag 335
Asp Asp Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys

```

95	100	105	
aat gat gta atc aat aat agt cag tca ata aac acc gat gat gat aac			383
Asn Asp Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn			
110	115	120	125
caa ata aaa aaa gaa gaa acg aat agc aac gat gcc ata gaa aat cgc			431
Gln Ile Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg			
	130	135	140
tct aaa gat ata aca cag tca aca aca aat gta gat gaa aac gaa gca			479
Ser Lys Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala			
	145	150	155
aca ttt tta caa aag acc cct caa gat aat act cag ctt aaa gaa gaa			527
Thr Phe Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu			
	160	165	170
gtg gta aaa gaa ccc tca tca gtc gaa tcc tca aat tca tca atg gat			575
Val Val Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp			
	175	180	185
act gcc caa caa cca tct cat aca aca ata aat agt gaa gca tct att			623
Thr Ala Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile			
	190	195	200
caa aca agt gat aat gaa gaa aat tcc cgc gta tca gat ttt gct aac			671
Gln Thr Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn			
	210	215	220
tct aaa ata ata gag agt aac act gaa tcc aat aaa gaa gag aat act			719
Ser Lys Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr			
	225	230	235
ata gag caa cct aac aaa gta aga gaa gat tca ata aca agt caa ccg			767
Ile Glu Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro			
	240	245	250
tct agc tat aaa aat ata gat gaa aaa att tca aat caa gat gag tta			815
Ser Ser Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu			
	255	260	265
tta aat tta cca ata aat gaa tat gaa aat aag gtt aga ccg tta tct			863
Leu Asn Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser			
	270	275	280
aca aca tct gcc caa cca tcg agt aag cgt gta acc gta aat caa tta			911
Thr Thr Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu			
	290	295	300
gcg gca gaa caa ggt tcg aat gtt aat cat tta att aaa gtt act gat			959
Ala Ala Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp			
	305	310	315
caa agt att act gaa gga tat gat gat agt gat ggt att att aaa gca			1007
Gln Ser Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala			
	320	325	330
cat gat gct gaa aac tta atc tat gat gta act ttt gaa gta gat gat			1055
His Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp			
	335	340	345


```

aag gtg aaa tct ggt gat acg atg aca gtg aat ata gat aag aat aca 1103
Lys Val Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr
350 355 360 365

ggt cca tca gat tta acc gat agt ttt gca ata cca aaa ata aaa gat 1151
Val Pro Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp
370 375 380

aat tct gga gaa atc atc gct aca ggt act tat gac aac aca aat aaa 1199
Asn Ser Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys
385 390 395

caa att acc tac act ttt aca gat tat gta gat aaa tat gaa aat att 1247
Gln Ile Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile
400 405 410

aaa gcg cac ctt aaa tta aca tca tac att gat aaa tca aag gtt cca 1295
Lys Ala His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro
415 420 425

aat aat aac act aag tta gat gta gaa tat aag acg gcc ctt tca tca 1343
Asn Asn Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser
430 435 440 445

gta aat aaa aca att acg gtt gaa tat caa aaa cct aac gaa aat cgg 1391
Val Asn Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg
450 455 460

act gct aac ctt caa agt atg ttc aca aac ata gat acg aaa aac cat 1439
Thr Ala Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His
465 470 475

aca gtt gag caa acg att tat att aac cct ctt cgt tat tca gcc aaa 1487
Thr Val Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys
480 485 490

gaa aca aat gta aat att tca ggg aat ggc gat gaa ggt tca aca att 1535
Glu Thr Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile
495 500 505

atc gac gat agt aca atc att aaa gtt tat aag gtt gga gat aat caa 1583
Ile Asp Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln
510 515 520 525

aat tta cca gat agt aac aga att tat gat tac agt gaa tat gaa gat 1631
Asn Leu Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp
530 535 540

gtc aca aat gat gat tat gcc caa tta gga aat aat aat gac gtg aat 1679
Val Thr Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn
545 550 555

att aat ttt ggt aat ata gat tca cca tat att att aaa gtt att agt 1727
Ile Asn Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser
560 565 570

aaa tat gac cct aat aag gac gat tac acg acg ata cag caa act gtg 1775
Lys Tyr Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val
575 580 585

aca atg caa acg act ata aat gag tat act ggt gag ttt aga aca gca 1823
Thr Met Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala

```

```

590          595          600          605
tcc tat gat aat aca att gct ttc tct aca agt tca ggt caa gga caa 1871
Ser Tyr Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln
610          615          620

ggt gac ttg cct cct gaa aaa act tat aaa atc gga gat tac gta tgg 1919
Gly Asp Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp
625          630          635

gaa gat gta gat aaa gat ggt att caa aat aca aat gat aat gaa aaa 1967
Glu Asp Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys
640          645          650

ccg ctt agt aat gta ttg gta act ttg acg tat cct gat gga act tca 2015
Pro Leu Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser
655          660          665

aaa tca gtc aga aca gat gaa gag ggg aaa tat caa ttt gat ggg tta 2063
Lys Ser Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu
670          675          685

aaa aac gga ttg act tat aaa att aca ttc gaa aca ccg gaa gga tat 2111
Lys Asn Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr
690          695          700

acg ccg acg ctt aaa cat tca gga aca aat cct gca cta gac tca gaa 2159
Thr Pro Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu
705          710          715

ggc aat tct gta tgg gta act att aac gga caa gac gat atg act att 2207
Gly Asn Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile
720          725          730

gat agc gga ttt tat caa aca cct aaa tat agc tta ggg aac tat gta 2255
Asp Ser Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val
735          740          745

tgg tat gac act aat aaa gat ggt att caa ggt gat gat gaa aaa gga 2303
Trp Tyr Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly
750          755          760          765

atc tct gga gta aaa gtg acg tta aaa gat gaa aac gga aat atc att 2351
Ile Ser Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile
770          775          780

agt aca aca aca act gat gaa aat gga aag tat caa ttt gat aat tta 2399
Ser Thr Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu
785          790          795

aat agt ggt aat tat att gtt cat ttt gat aaa cct tca ggt atg act 2447
Asn Ser Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr
800          805          810

caa aca aca aca gat tct ggt gat gat gac gaa cag gat gct gat ggg 2495
Gln Thr Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly
815          820          825

gaa gaa gtc cat gta aca att act gat cat gat gac ttt agt ata gat 2543
Glu Glu Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp
830          835          840          845

```

```

aac gga tac tat gat gac gac tca gat tca gat agt gat tca gac tca      2591
Asn Gly Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
      850                      855                      860

gat agc gac gac tca gac tcc gat agc gat tcc gac tca gac agc gac      2639
Asp Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      865                      870                      875

tca gat tcc gat agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gat      2687
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      880                      885                      890

agt gat tca gat tca gac agc gat tcc gac tca gac agt gac tca gga      2735
Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
      895                      900                      905

tta gac aat agc tca gat aag aat aca aaa gat aaa tta ccg gat aca      2783
Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr
910                      915                      920                      925

gga gct aat gaa gat cat gat tct aaa ggc aca tta ctt gga gct tta      2831
Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu
      930                      935                      940

ttt gca ggt tta gga gcg tta tta tta ggg aag cgt cgc aaa aat aga      2879
Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg
      945                      950                      955

aaa aat aaa aat taa att att caa atg aaa tta gtg aaa gaa gca gat      2927
Lys Asn Lys Asn      Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp
      960                      965                      970

acg aca ttt gaa tag aaa gta tat tta gtc caa caa ata taa ggt gtt g      2976
Thr Thr Phe Glu      Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile      Gly Val
      975                      980                      985

```

```

<210> 8
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```
<400> 8
```

```

Ile Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Leu Tyr Cys Ile Leu Leu
1          5          10

```

```

<210> 9
<211> 18
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```
<400> 9
```

```

Lys Arg Phe Leu Leu Glu Asn Tyr Ile Glu Ile Val Lys Asp Lys Glu
1          5          10          15

```

```
Phe Leu
```

```

<210> 10
<211> 930
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 10

Leu Lys Lys Asn Asn Leu Leu Thr Lys Lys Lys Pro Ile Ala Asn Lys
1 5 10 15

Ser Asn Lys Tyr Ala Ile Arg Lys Phe Thr Val Gly Thr Ala Ser Ile
20 25 30

Val Ile Gly Ala Ala Leu Leu Phe Gly Leu Gly His Asn Glu Ala Lys
35 40 45

Ala Glu Glu Asn Thr Val Gln Asp Val Lys Asp Ser Asn Met Asp Asp
50 55 60

Glu Leu Ser Asp Ser Asn Asp Gln Ser Ser Asn Glu Glu Lys Asn Asp
65 70 75 80

Val Ile Asn Asn Ser Gln Ser Ile Asn Thr Asp Asp Asp Asn Gln Ile
85 90 95

Lys Lys Glu Glu Thr Asn Ser Asn Asp Ala Ile Glu Asn Arg Ser Lys
100 105 110

Asp Ile Thr Gln Ser Thr Thr Asn Val Asp Glu Asn Glu Ala Thr Phe
115 120 125

Leu Gln Lys Thr Pro Gln Asp Asn Thr Gln Leu Lys Glu Glu Val Val
130 135 140

Lys Glu Pro Ser Ser Val Glu Ser Ser Asn Ser Ser Met Asp Thr Ala
145 150 155 160

Gln Gln Pro Ser His Thr Thr Ile Asn Ser Glu Ala Ser Ile Gln Thr
165 170 175

Ser Asp Asn Glu Glu Asn Ser Arg Val Ser Asp Phe Ala Asn Ser Lys
180 185 190

Ile Ile Glu Ser Asn Thr Glu Ser Asn Lys Glu Glu Asn Thr Ile Glu
195 200 205

Gln Pro Asn Lys Val Arg Glu Asp Ser Ile Thr Ser Gln Pro Ser Ser
210 215 220

```

Tyr Lys Asn Ile Asp Glu Lys Ile Ser Asn Gln Asp Glu Leu Leu Asn
 225 230 235 240

Leu Pro Ile Asn Glu Tyr Glu Asn Lys Val Arg Pro Leu Ser Thr Thr
 245 250 255

Ser Ala Gln Pro Ser Ser Lys Arg Val Thr Val Asn Gln Leu Ala Ala
 260 265 270

Glu Gln Gly Ser Asn Val Asn His Leu Ile Lys Val Thr Asp Gln Ser
 275 280 285

Ile Thr Glu Gly Tyr Asp Asp Ser Asp Gly Ile Ile Lys Ala His Asp
 290 295 300

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Asp Val Thr Phe Glu Val Asp Asp Lys Val
 305 310 315 320

Lys Ser Gly Asp Thr Met Thr Val Asn Ile Asp Lys Asn Thr Val Pro
 325 330 335

Ser Asp Leu Thr Asp Ser Phe Ala Ile Pro Lys Ile Lys Asp Asn Ser
 340 345 350

Gly Glu Ile Ile Ala Thr Gly Thr Tyr Asp Asn Thr Asn Lys Gln Ile
 355 360 365

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp Lys Tyr Glu Asn Ile Lys Ala
 370 375 380

His Leu Lys Leu Thr Ser Tyr Ile Asp Lys Ser Lys Val Pro Asn Asn
 385 390 395 400

Asn Thr Lys Leu Asp Val Glu Tyr Lys Thr Ala Leu Ser Ser Val Asn
 405 410 415

Lys Thr Ile Thr Val Glu Tyr Gln Lys Pro Asn Glu Asn Arg Thr Ala
 420 425 430

Asn Leu Gln Ser Met Phe Thr Asn Ile Asp Thr Lys Asn His Thr Val
 435 440 445

Glu Gln Thr Ile Tyr Ile Asn Pro Leu Arg Tyr Ser Ala Lys Glu Thr
 450 455 460

Asn Val Asn Ile Ser Gly Asn Gly Asp Glu Gly Ser Thr Ile Ile Asp

```

      . . . .
465              470              475              480

Asp Ser Thr Ile Ile Lys Val Tyr Lys Val Gly Asp Asn Gln Asn Leu
      485              490              495

Pro Asp Ser Asn Arg Ile Tyr Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr
      500              505              510

Asn Asp Asp Tyr Ala Gln Leu Gly Asn Asn Asn Asp Val Asn Ile Asn
      515              520              525

Phe Gly Asn Ile Asp Ser Pro Tyr Ile Ile Lys Val Ile Ser Lys Tyr
      530              535              540

Asp Pro Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Thr Ile Gln Gln Thr Val Thr Met
      545              550              555              560

Gln Thr Thr Ile Asn Glu Tyr Thr Gly Glu Phe Arg Thr Ala Ser Tyr
      565              570              575

Asp Asn Thr Ile Ala Phe Ser Thr Ser Ser Gly Gln Gly Gln Gly Asp
      580              585              590

Leu Pro Pro Glu Lys Thr Tyr Lys Ile Gly Asp Tyr Val Trp Glu Asp
      595              600              605

Val Asp Lys Asp Gly Ile Gln Asn Thr Asn Asp Asn Glu Lys Pro Leu
      610              615              620

Ser Asn Val Leu Val Thr Leu Thr Tyr Pro Asp Gly Thr Ser Lys Ser
      625              630              635              640

Val Arg Thr Asp Glu Glu Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Gly Leu Lys Asn
      645              650              655

Gly Leu Thr Tyr Lys Ile Thr Phe Glu Thr Pro Glu Gly Tyr Thr Pro
      660              665              670

Thr Leu Lys His Ser Gly Thr Asn Pro Ala Leu Asp Ser Glu Gly Asn
      675              680              685

Ser Val Trp Val Thr Ile Asn Gly Gln Asp Asp Met Thr Ile Asp Ser
      690              695              700

Gly Phe Tyr Gln Thr Pro Lys Tyr Ser Leu Gly Asn Tyr Val Trp Tyr
      705              710              715              720

```

```

Asp Thr Asn Lys Asp Gly Ile Gln Gly Asp Asp Glu Lys Gly Ile Ser
    725                                730                                735

Gly Val Lys Val Thr Leu Lys Asp Glu Asn Gly Asn Ile Ile Ser Thr
    740                                745                                750

Thr Thr Thr Asp Glu Asn Gly Lys Tyr Gln Phe Asp Asn Leu Asn Ser
    755                                760                                765

Gly Asn Tyr Ile Val His Phe Asp Lys Pro Ser Gly Met Thr Gln Thr
    770                                775                                780

Thr Thr Asp Ser Gly Asp Asp Asp Glu Gln Asp Ala Asp Gly Glu Glu
    785                                790                                795                                800

Val His Val Thr Ile Thr Asp His Asp Asp Phe Ser Ile Asp Asn Gly
    805                                810                                815

Tyr Tyr Asp Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
    820                                825                                830

Asp Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
    835                                840                                845

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp
    850                                855                                860

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp
    865                                870                                875                                880

Asn Ser Ser Asp Lys Asn Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala
    885                                890                                895

Asn Glu Asp His Asp Ser Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala
    900                                905                                910

Gly Leu Gly Ala Leu Leu Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn
    915                                920                                925

Lys Asn
    930

```

```

<210> 11
<211> 15
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

<400> 11

Ile Ile Gln Met Lys Leu Val Lys Glu Ala Asp Thr Thr Phe Glu
1 5 10 15

<210> 12

<211> 8

<212> PRT

<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 12

Lys Val Tyr Leu Val Gln Gln Ile
1 5

<210> 13

<211> 1464

<212> DNA

<213> Staphylococcus epidermidis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1464)

<223>

<400> 13

atg aaa aag ttt aac att aaa cat tca ttt atg ctt acg ggc ttt gct 48
Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1 5 10 15

ttc atg gta act aca tca tta ttc agt cac caa gca cat gct gaa ggt 96
Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
20 25 30

aat cat cct att gac att aat ttt tct aaa gat caa att gat aga aat 144
Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
35 40 45

aca gct aag agc aat att atc aat cga gtg aat gac act agt cgc aca 192
Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
50 55 60

gga att agt atg aat tcg gat aat gat tta gat aca gat atc gtt tca 240
Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65 70 75 80

aat agt gac tca gaa aat gac aca tat tta gat agt gat tca gat tca 288
Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
85 90 95

gac agt gac tca gat tca gat agt gac tca gat tca gat agt gac tca 336
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
100 105 110

gat tca gat agt gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt 384
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
115 120 125

gac tca gat tca gac agt gat tca gac tca gat agt gat tca gat tca 432
Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser

130	135	140	
gac agt gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 145 150 155 160			480
gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt gat tca gat tca gat agt Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 165 170 175			528
gat tca gat tca gac agt gac tca gac tca gac agt gat tca gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 180 185 190			576
gat agt gat tca gac tca gat agt gac tca gat tca gat agt gat tca Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser 195 200 205			624
gac tct ggt aca agt tca ggt aag ggt tca cat acc gga aaa aaa cct Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro 210 215 220			672
ggt aac cct aaa gga aat aca aat aga cct tct caa aga cat acg aat Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn 225 230 235 240			720
caa ccc caa agg cct aaa tac aat caa aca aat caa aac aat ata aac Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn 245 250 255			768
aat ata aac cat aat att aat cat aca cgt act agt gga gat ggt gcg Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala 260 265 270			816
cct ttt aaa cgt caa caa aat att att aat tct aat tca ggt cat aga Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg 275 280 285			864
aat caa aat aat ata aat caa ttt ata tgg aac aaa aat ggc ttt ttt Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe 290 295 300			912
aaa tct caa aat aat acc gaa cat aga atg aat agt agc gat aat acc Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr 305 310 315 320			960
aat tca tta att agc aga ttc aga caa tta gcc acg ggt gct tat aag Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys 325 330 335			1008
tac aat ccg ttt ttg att aat caa gta aaa aat ttg aat caa tta gat Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp 340 345 350			1056
gga aag gtg aca gat agt gac att tat agc ttg ttt aga aag caa tca Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser 355 360 365			1104
ttt aga gga aat gaa tat tta aat tca tta caa aaa ggg aca agc tat Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr 370 375 380			1152

```

ttc aga ttt caa tat ttt aat cca ctt aat tct agt aaa tac tat gaa      1200
Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
385                               390                               395                               400

aat tta gat gat cag gtt tta gct tta att aca gga gaa atc ggc tca      1248
Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
405                               410                               415

atg cca gaa ctt aaa aaa cct acg gat aaa gaa gat aaa aat cat agc      1296
Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
420                               425                               430

gcc ttc aaa aac cat agt gca gat gag ata aca aca aat aat gat gga      1344
Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
435                               440                               445

cac tcc aaa gat tat gat aag aaa aag aaa ata cat cga agt ctt tta      1392
His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
450                               455                               460

tcg tta agt att gca ata att gga att ttt cta gga gtc act gga cta      1440
Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
465                               470                               475                               480

tat atc ttt aga aga aaa aag taa
Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
485

```

```

<210> 14
<211> 487
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<400> 14

```

```

Met Lys Lys Phe Asn Ile Lys His Ser Phe Met Leu Thr Gly Phe Ala
1                               5                               10                               15

Phe Met Val Thr Thr Ser Leu Phe Ser His Gln Ala His Ala Glu Gly
20                               25                               30

Asn His Pro Ile Asp Ile Asn Phe Ser Lys Asp Gln Ile Asp Arg Asn
35                               40                               45

Thr Ala Lys Ser Asn Ile Ile Asn Arg Val Asn Asp Thr Ser Arg Thr
50                               55                               60

Gly Ile Ser Met Asn Ser Asp Asn Asp Leu Asp Thr Asp Ile Val Ser
65                               70                               75                               80

Asn Ser Asp Ser Glu Asn Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Asp Ser Asp Ser
85                               90                               95

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
100                               105                               110

```

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 115 120 125

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 130 135 140

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 145 150 155 160

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 165 170 175

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 180 185 190

Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser
 195 200 205

Asp Ser Gly Thr Ser Ser Gly Lys Gly Ser His Thr Gly Lys Lys Pro
 210 215 220

Gly Asn Pro Lys Gly Asn Thr Asn Arg Pro Ser Gln Arg His Thr Asn
 225 230 235 240

Gln Pro Gln Arg Pro Lys Tyr Asn Gln Thr Asn Gln Asn Asn Ile Asn
 245 250 255

Asn Ile Asn His Asn Ile Asn His Thr Arg Thr Ser Gly Asp Gly Ala
 260 265 270

Pro Phe Lys Arg Gln Gln Asn Ile Ile Asn Ser Asn Ser Gly His Arg
 275 280 285

Asn Gln Asn Asn Ile Asn Gln Phe Ile Trp Asn Lys Asn Gly Phe Phe
 290 295 300

Lys Ser Gln Asn Asn Thr Glu His Arg Met Asn Ser Ser Asp Asn Thr
 305 310 315 320

Asn Ser Leu Ile Ser Arg Phe Arg Gln Leu Ala Thr Gly Ala Tyr Lys
 325 330 335

Tyr Asn Pro Phe Leu Ile Asn Gln Val Lys Asn Leu Asn Gln Leu Asp
 340 345 350

```

      . . . .
Gly Lys Val Thr Asp Ser Asp Ile Tyr Ser Leu Phe Arg Lys Gln Ser
      355                      360                      365
Phe Arg Gly Asn Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Gln Lys Gly Thr Ser Tyr
      370                      375                      380
Phe Arg Phe Gln Tyr Phe Asn Pro Leu Asn Ser Ser Lys Tyr Tyr Glu
      385                      390                      395                      400
Asn Leu Asp Asp Gln Val Leu Ala Leu Ile Thr Gly Glu Ile Gly Ser
      405                      410                      415
Met Pro Glu Leu Lys Lys Pro Thr Asp Lys Glu Asp Lys Asn His Ser
      420                      425                      430
Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr Thr Asn Asn Asp Gly
      435                      440                      445
His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile His Arg Ser Leu Leu
      450                      455                      460
Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu Gly Val Thr Gly Leu
      465                      470                      475                      480
Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
      485

```

```

<210> 15
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (12)..(12)
<223> n=(a or c or t or g)

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (6)..(6)
<223> n=(a or c or t or g)

```

```

<400> 15
gaytcngayt cngayagy

```

18

```

<210> 16
<211> 9
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis
<400> 16

```

```

      . . . . .

Thr Tyr Thr Phe Thr Asp Tyr Val Asp
1           5

<210> 17
<211> 5
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (3)..(3)
<223> Xaa can be any amino acid

<400> 17

Leu Pro Xaa Thr Gly
1           5

<210> 18
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 18

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Asp Lys Asn
1           5           10           15

Ala Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
          20           25           30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Thr Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
          35           40           45

Leu Gly Arg Arg Arg Lys Lys Asp Asn Lys Glu Lys
          50           55           60

<210> 19
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 19

Ser Asp Ser Asp Ser Asp Ser Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asp Lys Asn
1           5           10           15

Thr Lys Asp Lys Leu Pro Asp Thr Gly Ala Asn Glu Asp His Asp Ser
          20           25           30

Lys Gly Thr Leu Leu Gly Ala Leu Phe Ala Gly Leu Gly Ala Leu Leu
          35           40           45

```

```

. . . .

Leu Gly Lys Arg Arg Lys Asn Arg Lys Asn Lys Asn
 50          55          60

<210> 20
<211> 60
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 20

Asp Lys Asn His Ser Ala Phe Lys Asn His Ser Ala Asp Glu Ile Thr
1          5          10          15

Thr Asn Asn Asp Gly His Ser Lys Asp Tyr Asp Lys Lys Lys Lys Ile
      20          25          30

His Arg Ser Leu Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ile Ile Gly Ile Phe Leu
      35          40          45

Gly Val Thr Gly Leu Tyr Ile Phe Arg Arg Lys Lys
 50          55          60

<210> 21
<211> 18
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 21
gatgatgaat tatcagac                                     18

<210> 22
<211> 19
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 22
caggaggcaa gtcaccttg                                     19

<210> 23
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 23
gccgatccc caattccaga ggattca                             27

<210> 24
<211> 27
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 24

```

gccaagctta ttgttagaac ctgactc 27

<210> 25
 <211> 17
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 25
 gattcagata gccattc 17

<210> 26
 <211> 17
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 26
 ctgagtcact gtctgag 17

<210> 27
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 27
 cccggatccg ctgaagacaa tcaattag 28

<210> 28
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 28
 cccaagctta attatcccc tgtgctg 27

<210> 29
 <211> 31
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 29
 cccggatccg aggagaatac agtacaagac g 31

<210> 30
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 30
 cccggtacct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 31
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Staphylococcus epidermidis

<400> 31
 cccggatccg aaggtaatca tcctattgac 30

```

<210> 32
<211> 37
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 32
cccaagctta cttttttctt ctaaagatat atagtcc 37

<210> 33
<211> 30
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 33
cccgaattca attatcccc tgtgctgttg 30

<210> 34
<211> 33
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 34
cccgaattct agtttttcag gaggcaagtc acc 33

<210> 35
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 35
ggcggatccg aaggtaatca tcctattg 28

<210> 36
<211> 28
<212> DNA
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 36
ggcaagcttc taaatatgtg tcattttc 28

<210> 37
<211> 4
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 37

Gly Gly Ala Gly
1

<210> 38
<211> 13
<212> PRT
<213> Staphylococcus epidermidis

<400> 38

Asp Tyr Ser Glu Tyr Glu Asp Val Thr Asn Asp Asp Tyr
1 5 10

```


, ' , '
 <210> 39
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Staphylococcus aureus
 <400> 39
 Leu Pro Asp Thr Gly
 1 5